

氏名： 庄村 康人 (しょうむら やすひと)  
所属： 京都大学大学院 理学研究科 化学専攻 生物構造化学分科  
学年： M 2  
電子メール： sho@kuchem.kyoto-u.ac.jp

私 ( Figure 1 ) が現在の研究室に配属されて既に丸二年が経とうとしています。順調に行けば四月からはドクターコースに進学しているはずなのですが、昨日修論発表が終わったばかりです。現在の研究室に配属される前は静岡大学の瓜谷研究室で酵母 ( Figure 2 ) の遺伝子の解析を行っていました。遺伝子いじりもなかなか楽しかったのですが、もともとたんぱく質のほうに興味があったため、大学院へ進学する際に現在の研究室を選びました。一口にたんぱく質といっても様々な分野がありましたが、とくに、構造生物学の、生体内高分子の実際の構造に基づいた議論を行うことができ、他のなによりも説得力のある実験事実が得られるというところに魅力を感じていました。

話は変わって、自分の研究の紹介をしたいと思います。私の現在の研究テーマは超高熱菌由来のシャペロニンの結晶構造解析です。このシャペロニンは8量体リングが背中合わせで会合した16量体として機能しますが、その分子量約100万の球状構造はウイルスのコートプロテインを思わせます(少し大きですが)。サブユニットは矮の二種類があり、*in vivo*では矮が交互にならんだ16量体として存在しますが、*in vitro*ではそれぞれのサブユニットがホモ16量体を形成することができます。これらホモ16量対は生化学的な活性に違いが見られ、その違いを立体構造の面から説明をするというのが本研究の最終目的です。現在のところ、痺<sub>Z</sub>モオリゴマーの結晶構造 ( Figure 3 ) の精密化はほぼ終わっていますが、竄<sub>N</sub>については結晶化条件もまだ確定していない状況です。(参考文献：修士論文発表会の原稿)

昨年(曹X9年)の5月22日より6月4日まで私はPFにおいてビームラインアシスタントを勤めていました。それまでも何回かデータ測定を行う機会がありましたが、実際にビームラインのメンテナンスに立ち会うことによって、担当者の方々の御苦労(の一部)を体験することができました。日々刻々と変化する状況のなかで、現在の装置の維持、また、新しい機材や技術の導入、さらに初心者ユーザーへの指導(ときには代行)など、仕事は無限にあったことを今でも覚えています。課せられた仕事以外にも、コンピュータ関係のことから金属工作に至るまで自分が興味を持ったことに自由に取り組むことができ、その点ではアシスタントを言うよりもむしろ研修に近かったように思えます。また、特に私がアシスタントをしている間は、初めてPFを利用するというユーザーの方が多かったために、思いがけない質問を受けることがたびたびありました。何度もデータ測定をしているとだんだん感覚が麻痺してきますが、初心者の方々にとっては少々わかりにくいシステムであると思われるので、一貫したマニュアルみたいなものがあつたら、と感じました(既にあつたら申し訳ありません)。

多くのユーザーの方々がビームライン側に要求しているのは、安定した測定機器の動作であることは周知の事実であると思います。しかし、実際にはそれがもっと

も困難で、担当の方々が時間を費やしているところであり、この辺はアシスタント中に最も勉強になったことでもあります。最後に月並みな言葉ではありますが、関係者の方々には今後もPFのビームの特性を生かしたビームラインメンテナンスを目指して行ってほしいと思います。

(平成12年2月10日記)



Figure 1

名称：*homo sapiens*

趣味：フェンシング、バイオリン、馬

嫌いなもの：徹夜

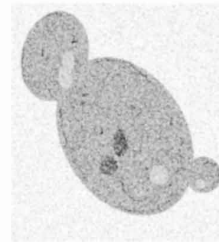


Figure 2

名称：*Saccharomyces cerevisiae*

趣味：分裂（出芽）、パン作り

嫌いなもの：滅菌、形質転換

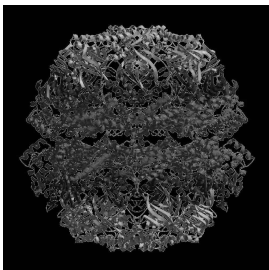


Figure 3

名称：*Thermococcus* KS-1 由来  $\alpha$ サブユニット16量体

趣味：会合、リフォールディング

嫌いなもの：SDS、プロテアーゼ